

<110> Degussa-Hüls AG

5 | <120> New nucleotide sequences coding for the ptsH gene

<130> 990219 BT

10 <140>
<141>

<160> 2

<170> PatentIn Ver. 2.1

<210> 1
<211> 480
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

```

<220>
<221> CDS
<222> (163)..(429)
<223> ptsH wild-type gene

```

```

30 <400> 1
   ggacattggt tttgcttcgc gtaacgtggc aaaacgaaca atgtctcact agactaaagt 60
   gagatcgaca ttaaattccc tcccttgggg ggtttaacta acaaatcgct gcgccctaata 120
   ccgttcggat taacggcgta gcaacacgaa aggacacttt cc atg gct tcc aag      174
                                     Met Ala Ser Lys
                                     1

```

35 act gta acc gtc ggt tcc tcc gtt ggc ctg cac gca cgt cca gca tcc 222
 Thr Val Thr Val Gly Ser Ser Val Gly Leu His Ala Arg Pro Ala Ser
 5 10 15 20

40 atc atc gct gaa gcg gct gct gag tac gac gac gaa atc ttg ctg acc 270
 Ile Ile Ala Glu Ala Ala Ala Glu Tyr Asp Asp Glu Ile Leu Leu Thr
 25 30 35

ctg gtt ggc tcc gat gat gac gaa gag acc gac gcg tcc tct tcc ctc 318
Leu Val Gly Ser Asp Asp Asp Glu Glu Thr Asp Ala Ser Ser Ser Leu

45 40 45 50

atg atc atg gcg ctg ggc gca gag cac ggc aac gaa gtt acc gtc acc 366
Met Ile Met Ala Leu Gly Ala Glu His Gly Asn Glu Val Thr Val Thr
55 60 65

tcc gac aac gct gaa gct gtt gag aag atc gct gcg ctt atc gca cag 414
Ser Asp Asn Ala Glu Ala Val Glu Lys Ile Ala Ala Leu Ile Ala Gln
70 75 80

55 gac ctt gac gct gag taaacaacgc tctgcttggt aaaagctcgt tagaagcttg 469
 Asp Leu Asp Ala Glu
 85

60 ttaaaagcgg t 480

<210> 2
<211> 89

Sub A1

[illegible]

Sub A1

<213> Corynebacterium glutamicum

5 / Met Ala Ser Lys Thr Val Thr Val Gly Ser Ser Val Gly Leu His Ala
1 5 10 15

Arg Pro Ala Ser Ile Ile Ala Glu Ala Ala Ala Glu Tyr Asp Asp Glu
20 25 30

Ile Leu Leu Thr Leu Val Gly Ser Asp Asp Asp Glu Glu Thr Asp Ala
35 40 45

15 Ser Ser Ser Leu Met Ile Met Ala Leu Gly Ala Glu His Gly Asn Glu
50 55 60

Val	Thr	Val	Thr	Ser	Asp	Asn	Ala	Glu	Ala	Val	Glu	Lys	Ile	Ala	Ala
65					70					75					80

20 Leu Ile Ala Gln Asp Leu Asp Ala Glu
85

<210> 3

25 <211> 480

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

30 <221> CDS

<222> (163) .. (429)

<223> ptsH allele

<400> 3

35 ggacattggt tttgcttccg gtaacgtggc aaaacgaaca atgtctcact agactaaagt 60

gagatcgaca ttaaattcccc tcccttgggg ggtttaacta acaaatcgcct gcgccctaatt 120

40 ccgttcggat taacggcgta gcaacacgaa aggacacttt cc atg gct tcc aag 174
Met Ala Ser Lys
1

act gta acc gtc ggt tcc tcc gtt ggc ctg cac gca cgt cca gca tcc 222
Thr Val Thr Val Gly Ser Ser Val Gly Leu His Ala Arg Pro Ala Ser

45 5 10 15 20

atc atc gct gaa acg gct gct gag tac ~~gac~~ gac gaa atc ttg ctg acc 270
Ile Ile Ala Glu Ala Ala Ala Glu Tyr ~~Asp~~ Asp Glu Ile Leu Leu Thr
25 30 35

ctg gtt ggc tcc gat gat gac gaa gag acc gac gcg tcc tct tcc ctc 318
Leu Val Gly Ser Asp Asp Asp Glu Glu Thr Asp Ala Ser Ser Ser Leu
40 45 50

55 atg atc atg gcg ctg ggc gca gag cac ggc aac gaa gtt acc gtc acc 366
Met Ile Met Ala Leu Gly Ala Glu His Gly Asn Glu Val Thr Val Thr

55 60 65

60 tcc gac aac gct gaa gct gtt gag aag atc gct ggc ctt atc gca cag 414
Ser Asp Asn Ala Glu Ala Val Glu Lys Ile Ala Ala Leu Ile Ala Gln
70 75 80

gac ctt gac gct gag taaacaacgc tctgcttggt aaaagctcgt taqaagcttg 469

項目	調査年度	調査対象	調査結果
1. 調査の目的	2019年度	全県民	県民の生活満足度を調査する
2. 調査の方法	2019年度	全県民	アンケート調査
3. 調査の結果	2019年度	全県民	生活満足度は75.5%
4. 調査の意義	2019年度	全県民	県民の生活満足度を調査する
5. 調査の成果	2019年度	全県民	生活満足度は75.5%
6. 調査の課題	2019年度	全県民	生活満足度を向上させる
7. 調査の展望	2019年度	全県民	生活満足度を向上させる
8. 調査のまとめ	2019年度	全県民	生活満足度は75.5%
9. 調査の報告	2019年度	全県民	生活満足度は75.5%
10. 調査の公表	2019年度	全県民	生活満足度は75.5%
11. 調査の活用	2019年度	全県民	生活満足度を向上させる
12. 調査の継続	2019年度	全県民	生活満足度を向上させる
13. 調査の発展	2019年度	全県民	生活満足度を向上させる
14. 調査の普及	2019年度	全県民	生活満足度を向上させる
15. 調査の推進	2019年度	全県民	生活満足度を向上させる
16. 調査の促進	2019年度	全県民	生活満足度を向上させる
17. 調査の奨励	2019年度	全県民	生活満足度を向上させる
18. 調査の奨励	2019年度	全県民	生活満足度を向上させる
19. 調査の奨励	2019年度	全県民	生活満足度を向上させる
20. 調査の奨励	2019年度	全県民	生活満足度を向上させる

[illegible]

30
 41
 Asp Leu Asp Ala Glu
 85
 5 ttaaaagcgg t
 <210> 4
 <211> 89
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 10 <400> 4
 Met Ala Ser Lys Thr Val Thr Val Gly Ser Ser
 1 5 10
 15 Arg Pro Ala Ser Ile Ile Ala Glu Thr Ala Ala
 20 25
 Ile Leu Leu Thr Leu Val Gly Ser Asp Asp Asp
 35 40
 20 Ser Ser Ser Leu Met Ile Met Ala Leu Gly Ala
 50 55
 25 Val Thr Val Thr Ser Asp Asn Ala Glu Ala Val
 65 70 75
 30 Leu Ile Ala Gln Asp Leu Asp Ala Glu
 85
 <210> 5
 <211> 20
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 35 <220>
 <223> Primer ptsHexpl
 <400> 5
 40 accactgggtg caatctccat
 <210> 6
 <211> 20
 <212> DNA
 45 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>
 <223> Primer ptsHexp2
 50 <400> 6
 ttctactcagc gtcaagggtcc

tttactcagc gtcaagggtcc

20